

1/2

FIG. 1A

TRQSP-----RLPFPTSPSL--SLCLSSNRNVHLAAASKRDQMAPLGDG-GAAAAAASN
-ARASPPHPKK--FPTIPSLSLNLDLSLSPVFAASR-----VVVVGGMAGRS
HERTSLSCRSKTVFQNPNTLSLP-----MALNNGVPATGT
-----MAPLGDAVAPAAAAAP
-----MAVNG---ASSS
1 60

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

NLVVSFGEMLIDFVPDVAGLSLAESGGFVKAPGGAPANVACIAKLGSSAFVKGFGDDE
ELVVSFGEMLIDFVPTVAGVSLAEAPAFVKAPGGAPANVAIAVARLGGAAAFVKGKLGDDDE
GLIVSFGEMLIDFVPTVSGVSLAEAPGFLKAPGGAPANVAIAVSRLLGKAAAFVKGKLGDDDE
GLVVSFGEMLIDFVPDVAGVSLAEESGGFVKAPGGAPANVACIAISKLGSSAFVKGFGDDE
GLIVSFGEMLIDFVPTVSGVSLAEAPGFLKAPGGAPANVAIAVTRLGKSAFVKGKLGDDDE
61 120

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

FGHMLVNILKQNNVNSEGCLFDKHARTALAFVTLKHDGEREFMFYRNPSADMLLITEAELD
FGRMLAAILRDNGVDDGGVFDAGARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMLLITHAEELN
FGHMLAGILKENGVRADGINFDQARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMLLKPEELN
FGHMLVEILKQNGVNAEGCLFDQHARTALAFVTLKSNGEREFMFYRNPSADMLLITEAELN
FGHMLAGILKTNGVQAEGINFDKGARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMLLITPAELN
121 180

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

LGLVRRAKVFHYGSIISLISEPCRSAHMAAMRAAKAAGVLCSDPNVRLPLWPSPDAAAREG
VELIKRAAVFHYGSIISLIAEPCRSAHLRAMEIAKEAGALLSYDPNLRALWPSREEARTK
LELIRSAKVHYGSIISLIVEPCRSAHLKAMEVAKESGCLLSYDPNLRPLWPSAEAEARKQ
LDLIRRARIFHYGSIISLITEPCRSAHVAAATRAAKSAGILCSYDPNVRPLWPSAQAAARDG
LDLIRSAKVHYGSIISLIVEPCRAAHMKAMEVAKEAGALLSYDPNLRPLWPSAEAEAKKQ
181 240

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

FIG. 1A

241

301

361

SEQ	ID NO:02
SEQ	ID NO:06
SEQ	ID NO:08
SEQ	ID NO:12
SEQ	ID NO:13

SEQ	ID	NO:02
SEQ	ID	NO:06
SEQ	ID	NO:08
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:13

FIG. 1B